AMEA-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), cild 73, №3, səh. 25-34 (2018)

Yerli yumşaq buğdaların (*T. aestivum* L.) yeni nümunələrinin prolamin zülal markerlərinin identifikasiyası və genetik yaxınlığının qiymətləndirilməsi

V.N. Rüstəmova*, Ə.Y. Kərimov, S.B. Sadıqova, H.B. Sadıqov, M.Ə. Abbasov

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azadlıq prosp., 155, Bakı AZ 1106, Azərbaycan;
**E-mail: vafrustam@gmail.com*

Tədqiqat işində Azərbaycanın yerli yumşaq buğdalarının 21 növmüxtəlifliyini əhatə edən 88 sort və nümunənin genetik yaxınlığı qliadin ehtiyat zülalları əsasında Acid-PAGE üsulu ilə qiymətləndirilmişdir. Elektroforetik analiz nəticəsində əldə olunmuş qliadin elektroforeqramları binar nömrələmə üsulu ilə işlənilmiş və nümunələrinin genetik yaxınlığını müəyyənləşdirmək üçün SPSS kompyuter proqramı vasitəsilə dendroqram tərtib edilmişdir. Qurulmuş dendroqramda nümunələrin 10 klasterdə birləşməsi müşahidə olunmuşdur. Tədqiqatda yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin qliadinkodlaşdıran lokusların allel komponentlər blokları müəyyən edilmişdir. Nümunərin qliadin elektroforeqramlarının ω-, γ-, β- və α- zonaları üzrə 32 spektr, 108 müxtəlif prolamin patterni aşkarlanmış və qliadin elektroforeqramalarının zonalar üzrə Nei- genetik müxtəliflik indeksləri (H-) hesablanmışdır.

Açar sözlər: *T. aestivum L., qliadin, lokus, allel, genetik müxtəliflik*

GİRİŞ

Buğda insanın qidalanması üçün lazım olan kalori və zülalın əhəmiyyətli qismini təşkil edir və dünya əhalisinin 35%-ni əhatə edən təxminən 40 ölkənin əsas qida məhsuludur. İnsanların dəyişkən qidalanma vərdişləri eləcə də inkişaf edən texnologiyadan asılı olaraq müxtəlif buğda məhsulları istehsal edilmiş və istehlakçı istəkləri də buna uyğun olaraq dəyişmişdir (Abdullah et al., 2002; Atlı, 1999). Həmçinin buğdanın ölkəmizdədə geniş ərazilərdə əkilməsi, istehsalı baxımından ilk sıralarda olması,insan qidasının əsasını təşkil etməsi,heyvandarlığın inkişaf etdirilməsində əhəmiyyətli ərzaq həm də yem bitkisi olmasını əsaslandırır. Buğdanın adaptasiya hüdudunun genişliyi,istehsalı, daşınması,asan işlənilməsi və keyfiyyətli çörəkbişmə qabiliyyətinə görə bir çox ölkələrdəbuğdanın istehsalının artırılması işləri sürətləndirilmişdir (Поперeля и Созинов, 1977). Seleksiya proqramlarının əsas məqsədi qida rasionumuzun əsasını təşkil edən yumşaq buğdanın yüksək keyfiyyətli, quraqlıq ,istilik stresslərinə və şaxtaya davamlı yeni sortların yaradılmasıdır (Blum, 1988; Wilson, 1984). Bu proqramların digər məqsədi genetik təmizliyi qorunmuş, kəmiyyət və keyfiyyət göstəricilərinə malik olan, həmçinin bazarın tələblərinə uyğun olan sortların yaradılmasıdır (Akçura, 2006).

Buğda bitkisinin keyfiyyət əlamətlərinin polimorfizminin öyrənilməsində genetik şərtlənmiş zülal markerlərinin tətbiqi çox aktualdır, çünki məhz seleksiyada buğda dəninin keyfiyyətinin və genetik müxtəlifliyini xarakterizə etmək üçün zülal markerləri mühüm əhəmiyyət kəsb edir(Козуб и др., 2001; Созинов, 1985). Buğda dəninin endosperminin 80%-i qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarından ibarətdir (Созинов, 1985). Yumşaq buğda sortlarının unundan alınmış çörəyin keyfiyyət göstəriciləri əsasən, qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının miqdarı və nisbətindən asılı olduğundan bu zülalların və onların sintezinə nəzarət edən genlərin öyrənilməsi elmi və praktiki cəhətdən çox vacibdir. Qliadin zülal markerləri yumşaq buğdanın polimorfizminin və təkamül dəyişkənliklərinin müəyyən edilməsində tətbiq edilən ən müasir metdolardan biridir (Melnikova and Kudryavtsev, 2009). Ehtiyat zülalları kodlaşdıran genlərin ardıcıllıqlarında intronlar olmadığından və qliadinlər genlərin ekspressiyasının ilk məhsulu olmaqla onlardan buğdaların təkamülündə universal genetik marker kimi istifadə edilməkdədir (Anderson, 1991; Ciaffi, 1999). Qliadinlərin elektorforetik üsulla ayrılması ilk dəfə 1960-cı illərin əvvələrində həyata keçirilmişdir (Boyd and Lee, 1967; Shepherd, 1968). Qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən genlərin müvafiq xromosomlarda lokallaşması Sirsin (Chinese Spring) mənşəli yazlıq yumşaq buğda sortunun aneoploid xətti sırasını yaradılması bu tədqiqat işlərinin sürətlə həyata keçirilməsinə imkan vermişdir (Sears, 1966). Müəyyən edilmişdir ki, yumşaq buğdada qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən genlərin 1A, 1B, 1D, 6A ,6B və 6D xromosomlarının qısa və uzun çiyinlərində lokallaşmışdır. Hibrid materialın təhlili göstərmişdir ki, qliadin kodlayan lokuslar xromosomların distal hissəsində lokallaşmışdır (Rybalka, 1979; Singh and Shepherd,

1988) Müxtəlif tədqiqatçıların araşdırmaları nəticəsində məlum olmuşdur ki, lokus və sentromer arasındakı məsafə rekombinasiyanın 40,4%-də (56,1 sm), rekombinasiyanın 42% də isə (59,7 sm) dəyişmişdir (Рыбалка, Созинов, 1979; Payne et al., 1984; Singh, Shepherd, 1988). Qliadinlər şərti olaraq 4 zonaya bölünür; α-, β-, γ- və ω qliadinlər. α- və β-qliadinlər struktur quruluşu oxşar olduğu üçün bəzən kompleks şəkildə istifadə olunur, lakin γ- və ω-sturuktur quruluşu tam fərqlənir. (Rashed et al., 2007; Novoselskaya-Dragovich, 2015). Hər bir qrup qliadinlər spesifik şəkildə taxılın keyfiyyətinə əhəmiyyətli dərəcədə təsir göstərir (Zhang et al., 2003; Wang et al., 2008; Li et al., 2009; Mondal et al., 2009; Gil-Humanes et al., 2012). Qliadin allel komponentlərinin sintezinə nəzarət edən Gli1 və Gli2 lokusları 1-ci və 6-cı homoeloji xromosomların qısa çiyinlərinə lokallaşmışdır (Lafiandra et al., 1984; Dachkevitch et al., 1993; Metakovsky et al., 1997; Qi et al., 2006). Bütün ω- qliaidinlər və γ- qliadinlərin əksər hissəsinin sintezinə Gli1 lokusu və α-qliadinlərin hamısının və β- qliadinlərin əksər hissəsinin sintezinə Gli2 lokusu nəzarət edir. (Qi et al., 2006; Rashed et al., 2007). Müəyyən olunmuşdur ki, sortların elektroforetik spektrləri genetik determinə olunmuş əlamət kimi iqlim,torpaq,ekoloji və becərmə şəraitindən asılı olaraq dəyişmir. Qliadin allel komponent bloklarının bu cür stabilliyi genotiplərin identifikasiyası və pasportlaşdırılmasında mühüm rol oynayır (Barak et al., 2015; Novoselskaya-Dragovich, 2015). Ədəbiyyat məlumatına görə yabanı tetraploid (*Aegilopus geniculata*) buğdalarda qliadinlərin təbii şəraitdə polimorfizmi coğrafi yayılmasından daha çox ekoloji parametrlərlə korellyasiya təşkil etmişdir (Medouri et al., 2015).

Yumşaq buğdanın ehtiyat zülallarının 3–cü fraksiyası olan qliadinlər toxumun zülal konsentrasiyasının 30-40%-ni təşkil edir və molekulyar kütləsi 30-60 kDa aralığında dəyişir (Anderson and Greene, 1997). Qliadin ehtiyat züllaları monomerdir və hidratasiya halindakı xəmirin dartılmasını və yapışqanlılığını müəyyən edir (Wieser, 2007). Yumşaq buğdanın üzərində aparılan başqa bir tədqiqatda 50-70 fərqli qliadin kodlaşdıran lokusun ekspressiyası çörəyin bişmə keyfiyyətinə təsir etdiyi məlum olmuşdur (Gooding et al., 2003; Zhao et al., 2009; Becker et al., 2012). Müxtəlif buğda sortları üzərində aparılmış daha əvvəlki tədqiqatlar qlütenin ehtiyat zülallarının subvahidlərinin çörəyin bişmə keyfiyyəti ilə birbaşa əlaqəli olduğu öyrənilmişdir. (Gupta et al., 1992; Finlay et al., 2007) Dünyada yumşaq və bərk buğda kolleksiyasının qliadin allel komponentləri kifayət qədər öyrənilmişdir, həmçinin Azərbaycandada aparılan tədqiqatlarda zülal genetik markerləri ilə bərk buğdaların (*T.durum* Desf.) yerli xalq və seleksiya sortlarının dənlərində qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının mövcud 6 ilişikli olmayan qliadinkodlaşdıran Gli1A, Gli1B, Gli6A, Gli6B və 2 qlüteninkodlaşdıran lokusların – Glu1A və Glu1B allel genlərin nəzarət etdiyi komponentlər blokları identifikasiya edilmişdir. (Sadıqov, 2014) Həmçin digər tədqiqatda yumşaq buğdanın dünya kolleksiyasında rast gəlinməyən qliadinkodlaşdıran lokusların yeni allel komponen blokları identifikasiya edilmişdir (Sadıqova və Kərimov, 2016).

Qliadin və qlüteninin ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən allellərin identifikasiyası və dənin keyfiyyət göstəriciləri ilə əlaqəli olan zülal markerləri əsasında qısa zaman müddətində yüksək məhsuldar və keyfiyyətli dənə malik sort və formaların yaradılması mümkündür. Bu sahədə çalışan genetik və seleksiyaçıların qarşısında duran əsas məsələlərdən biri də buğdanın məhsuldarlığı ilə yanaşı, onun çörəkbişirmə keyfiyyətinin yüksəldilməsidir.

MATERİAL VƏ METODLAR

Tədqiqat materialı kimi 88 yerli yumşaq buğda nümunəsi, həmçinin sort marker kimi Bezostaya 1 və Anza sortlarından istifadə edilmişdir (Cədvəl 1).

Dəndə qliadin ehtiyat zülalının elektroforetik analizi F.A.Poperelyanının metodu əsasında qlisin asetat buferində (pH3.1) Acid-PAGE-də aparılmışdır (Попереля, 1989).

Buğda nümunələrin genetik müxtəlifliyini təyin etmək üçün SPSS kompyuter proqramının köməkliyi ilə klaster analizindən istifadə edilmişdir. Belə ki, bu üsul əsasında genetik yaxın və oxşar olan nümunələr dendroqramda qruplaşdırılmışdır (Rohlf, 2000).

Müxtəlif yumşaq buğda nümunələrinin hər bir patternin və elektroforetik spektrlərinin zonaları üzrə rastgəlmə tezliyinə görə genetik müxtəliflik indeksi Nei düsturu əsasında aşağıdakı formul ilə hesablanmışdır (Nei, 1973).

$$H = 1 - \sum P_i^2$$

burada: H - genetik müxtəliflik indeksi, P_i – hər patternin zonalardakı rastgəlmə tezliyi.

NƏTİCƏLƏR VƏ MÜZAKİRƏ

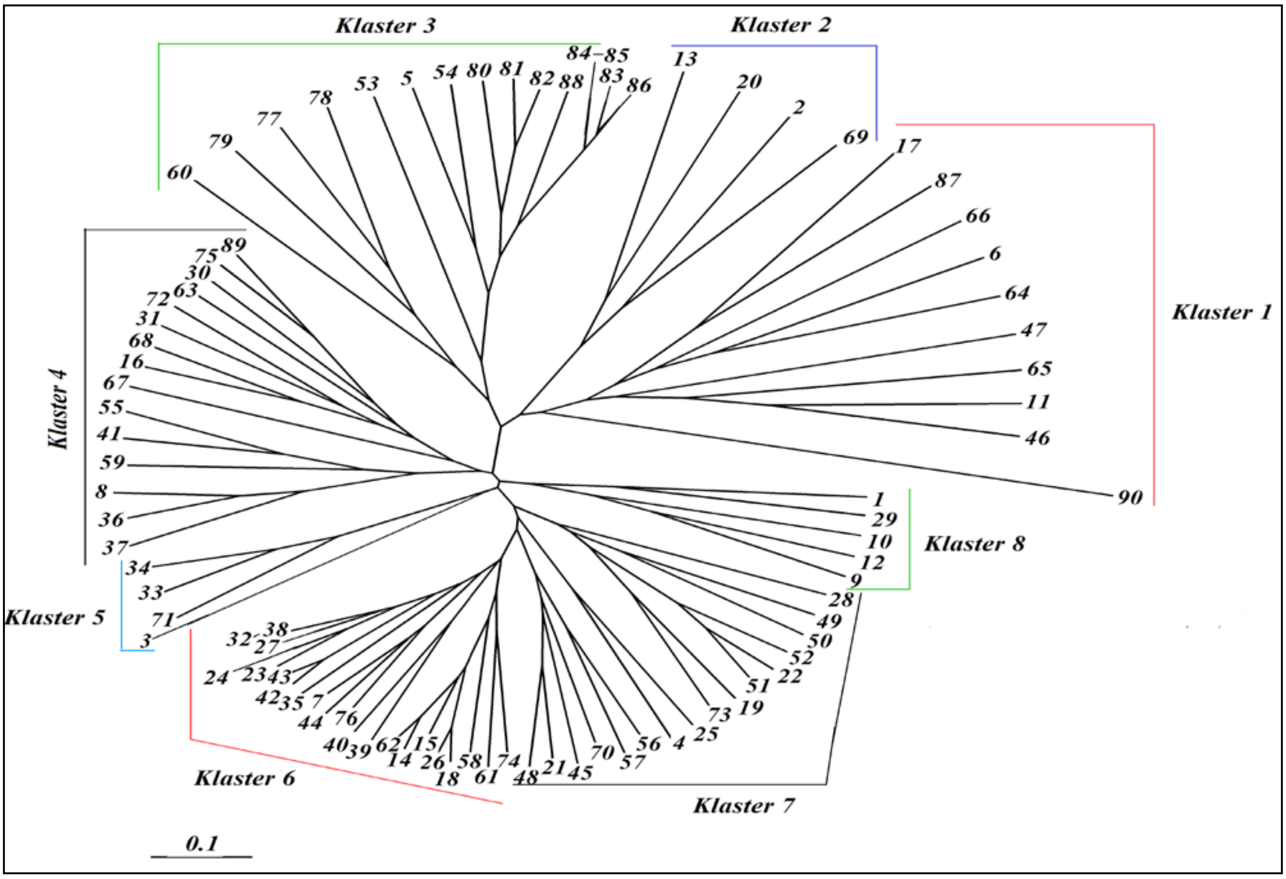
Aparılan tədqiqat işində qliadin ehtiyat zülallarının polimorfizmi əsasında yumşaq buğda nümunələri arasındakı genetik məsafələri müəyyən etmək məqsədilə klaster analizi üsulundan istifadə edilmişdir.

Cədvəl. Tədqiq olunan yumşaq buğda nümunələri.

№	Genbank kataloq nömrəsi	Növ müxtəlifliyinin adı	Toplandığı yer	Mənşəyi
1	2	3	4	5
1	YB05K-97	*v.meridionale*	Naxçıvan	Azərbaycan
2	Azetr-134	*v.lutescens*	Abşeron pirşağı sovxoz 2	Azərbaycan
3	YBRFS09-55	*v.erythrospermum*	Şəki	Azərbaycan
4	Azetr-114	*v.lutescens*	Abşeron pirşağı sovxoz 2	Azərbaycan
5	YB05K-204	*v.milturum*	Dəvəçi	Azərbaycan
6	YB05K-161	*v.erythrospermum*	Goranboy	Azərbaycan
7	Bezostaya 1	*v.lutescens*	Abşeron	Rusiya
8	Anza (marker)	*v. erythrospermum*	Abşeron	Amerika
9	AG-1277	*v.erythrospermum*	Qarayazı	Azərbaycan
10	YBK05K-236	*v.graecum*	Naxçıvan	Azərbaycan
11	Azetr-131	*v.erythrospermum*	Abşeron pirşağı sovxoz 2	Azərbaycan
12	Azetr-113	*v.ferrugineum*	Abşeron pirşağı sovxoz 2	Azərbaycan
13	Azetr-111	*v.lutescens*	Abşeron pirşağı sovxoz 2	Azərbaycan
14	YBQK-1	*v.graecum*	Samux	Azərbaycan
15	AG-1281	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
16	YBRFS 013k-38	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
17	YBRFS 013k-95	*v.leucospermum*	Abşeron	Azərbaycan
18	YBRFS 013k-150	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
19	YBRFS 013k-120	*v.turcicum*	Abşeron	Azərbaycan
20	YBRFS 013k-156	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
21	YBRFS 013k-63	*v.barbarossa*	Abşeron	Azərbaycan
22	YBRFS 013k-74	*v.hostianum*	Abşeron	Azərbaycan
23	YBRFS 013k-148	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
24	YBRFS 013k-154	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
25	YBRFS 013k-122	*v.turcicum*	Abşeron	Azərbaycan
26	YBRFS 013k-149	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
27	St Gobustan	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
28	YBRFS 13k-98	*v.murinum*	Abşeron	Azərbaycan
29	Seleksiya materialı	*v.ferrigienum*	Abşeron	Azərbaycan
30	Seleksiya materialı	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
31	Seleksiya materialı	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
32	Seleksiya materialı	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
33	Seleksiya materialı	*v.ferrigienum*	Abşeron	Azərbaycan
34	Seleksiya materialı	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
35	Seleksiya materialı	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
36	Seleksiya materialı	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
37	Seleksiya materialı	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
38	Seleksiya materialı	*v.ferrigienum*	Abşeron	Azərbaycan
39	Seleksiya materialı	*v.milturum*	Abşeron	Azərbaycan
40	Seleksiya materialı	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
41	YBRFS014k-22	*v.milturum*	Abşeron	Azərbaycan
42	YBRFS014k-34	*v.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan
43	YBRFS014k-44	*v.ferrugineum*	Abşeron	Azərbaycan
44	YBRFS014k-53	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
45	YBRFS014k-77	*v.erythroleucon*	Abşeron	Azərbaycan
46	YBRFS014k-92	*v.alborubrum*	Abşeron	Azərbaycan
47	YBRFS014k-94	*v.barbarossa*	Abşeron	Azərbaycan
48	YBRFS014k-103	*v.albidum*	Abşeron	Azərbaycan
49	YBRFS014k-117	*v.hostianum*	Abşeron	Azərbaycan
50	YBRFS014k-140	*v.meridionale*	Abşeron	Azərbaycan
51	YBRFS014k-152	*v.leucospermum*	Abşeron	Azərbaycan
52	YBRFS014k-155	*v.murinum*	Abşeron	Azərbaycan
53	YBRFS014k-157	*v.cyanotrix*	Abşeron	Azərbaycan
54	YBRFS014k-159	*v.glaucolutescens*	Abşeron	Azərbaycan
55	YBRFS014k-168	*v.delfi*	Abşeron	Azərbaycan
56	YBRFS014k-179	*v.pyrothrix*	Abşeron	Azərbaycan
57	YBRFS014k-185	*v.turcicum*	Abşeron	Azərbaycan
58	YBRFS014k-193	*v.sardoum*	Abşeron	Azərbaycan
59	YBRFS014k-198	*v.nigricans*	Abşeron	Azərbaycan
60	YBRFS014k-200	*v.renovatum*	Abşeron	Azərbaycan
61	AG-3492-Birlik	*v.pulchrum*	Abşeron	Azərbaycan
62	AG-472-Qarabağ	*v.ps.erythrospermum*	Abşeron	Azərbaycan

Cədvəlin davamı

1	2	3	4	5
63	AG-473-Zərdabi	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
64	TRİ-92-Grecum 75/50	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
65	TYB-1132-Azəri	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
66	AG-3496-Əzəmətli 95	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
67	AG-3500-Günəşli	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
68	AG-3502-Şəfəq-2	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
69	AG-3503-Uğur	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
70	TYB-1147-Aran	*v.lutescens*	Abşeron	Azərbaycan
71	AG-2669-Yeganə	*v.ferrugineum*	Abşeron	Azərbaycan
72	AG-3504 Tale-38	*v.graecum*	Abşeron	Azərbaycan
73	Z 2009/1	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
74	Z 2009/2	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
75	TT 09704/5-2	*v.erythrospermum*	Tərtər	Azərbaycan
76	Z 2009/16	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
77	TT 09706/2-4-1	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
78	TT 09214/3-1-1	*v.albidium*	Tərtər	Azərbaycan
79	TT 09704/2-4-1-1-3	*v.albidium*	Tərtər	Azərbaycan
80	TT 09214/3	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
81	TT 09704/2-4-1-1-1	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
82	TT 09214/7	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
83	TT 0887/2-1-1-1	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
84	TT 09704/2-4-1-2-1	*v.albidium*	Tərtər	Azərbaycan
85	TT 09704/2-1	*v.albidium*	Tərtər	Azərbaycan
86	AB 03166	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
87	E 04002/1-3	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
88	TT 09701/1	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
89	Z 2009/37	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan
90	TT -09214/3-5	*v.lutescens*	Tərtər	Azərbaycan



Şəkil 1. Qliadin ehtiyat zülallarının spektrlərinin klaster analizi əsasında 90 yumşaq buğda nümunəsi arasındakı genetik məsafələri əks etdirən dendroqram.

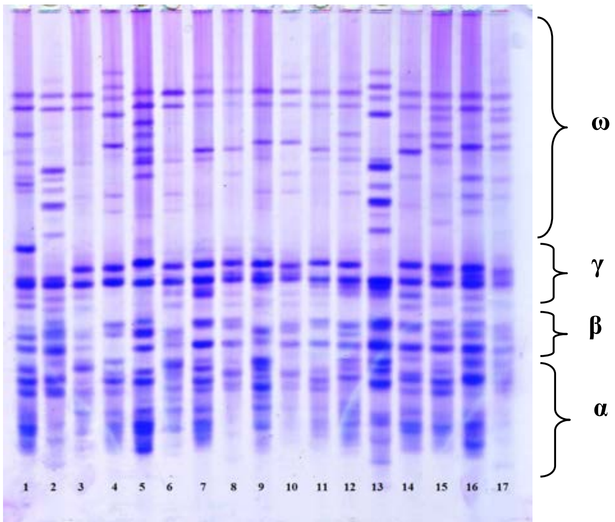
Klaster analizində genotiplər arasındakı genetik məsafə indeksi əsasında qurulmuş dendroqramda 90 yumşaq buğda nümunəsi 8 əsas qrupda sinifləşmişdir (Şəkil 1). Birinci qrup klaster10 genotipdən ibarət olub, Azərbaycan mənşəli, *T.aestivum* L., v.erythrospermum növmüxtəlifliyinə aid 2 (6 və 11 nömrəli genotiplər), *T.aestivum*, *v.leucospermum* növmüxtəlifliyinə aid 1 (17 nömrəli genotip), v.alborubrum növmüxtəlifliyinə aid 46 nömrəli genotip, v.barbarossa növmüxtəlifliyinə aid 1 nümunə (47 nömrəli genotip), v.graecuma aid 2 (64 və 66 nömrəli genotip) və *v.lutescens* növmüxtəlifliyinə aid 3 (65, 87 və 90 nömrəli genotiplər) nümunə yerləşmişdir. İkinci qrup klasterdə Azərbaycan mənşəli v.lutescens nönmüxtəlifliyinə aid 3 nümunə (2, 13, 69 nömrəli genotiplər) və v.graecum növmüxtəlifliyinə aid 19 nömrəli nümunə sinifləşmişdir. Üçüncü qrup klasterdə v.milturum növmüxtəlifliyinə aid 1 (5 nömrəli genotip), v.cyanotrics növmüxtəlifliyinə aid 1 (53 nömrəli genotip), v.glaucolutescensə aid 1 (54 nömrəli genotip), v.renovatuma aid 1 (60 nömrəli genotip), v.lutescens növmüxtəlifliyinə aid 7 (77, 80, 81, 82, 83, 86 və 88 nömrəli genotiplər), v.albidum növmüxtəlifliyinə aid 4 (78, 79, 84 və 85 nömrəli genotiplər) nümunə quruplaşmışdılar.

Elektroforetik analiz zamanı, qliadin ehtiyat zülalları şərti olaraq dörd zonaya bölünmüşdür: bunlar **ω-, γ-, β-** və **α-** qliadinlərdir. Aparılan tədqiqat işində qliadin komponentlər bloklarının allel variantları bir-birindən elektroforetik spektrlərin sayına, komponentlərin geldə miqrasiya sürətinə, spektrlərin intensivliyinə görə fərqlənmişdir. 88 yerli yumşaq buğda nümunələrinin identifikasiyasında, **Gld 1A, Gld 1B, Gld 1D, Gld 6A, Gld 6B** və **Gld 6D** qliadinkodlaşdıran lokusların elektroforeqramlarının genetik formulunun tərtibi standart kimi götürülmüş Bezostaya-1 (marker) sortunun qliadin allel komponentlər bloklarının kataloqu əsasında həyata keçirilmişdir (Şəkil 2-7).

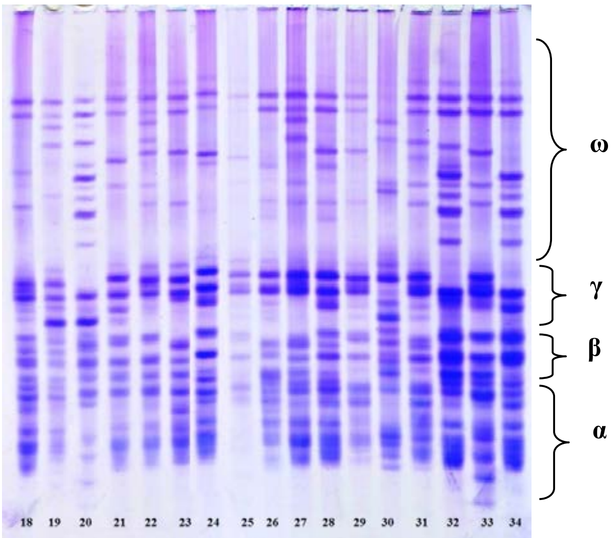
A-PAGE üsulu ilə aparılan analiz nəticəsində *v.meridionale*yumşaq buğda növmüxtəlifliyinin dənlərində ehtiyat zülalların sintezinə nəzarət edən qliadinkodlaşdıran lokusların allel komponentlər blokları ***Gld 1A5***,*v.lutescens* və *v.erythrospermum* genotiplərində ***Gld 1A16***, *v.cyanotrics* nümunəsində ***Gld 1A7***, *v.renovatum* və *v.albidum* nümunələrində ***Gld 1A1***allel komponentlər bloklarımüəyyən edilmişdir.

1B xromosomuna görə *v.meridionale* və *v.cyanotrics* genotiplərinin qliadinkodlaşdıran lokusunda ***Gld 1B6,*** *v.lutescensdə* ***Gld 1B8***, *v.erythrospermum*və *v.albidumda* ***Gld 1B3***və *v.renovatum* genotipində Gld 1B lokusunda yeni allel komponentlər bloku identifikasiya edilmişdir.

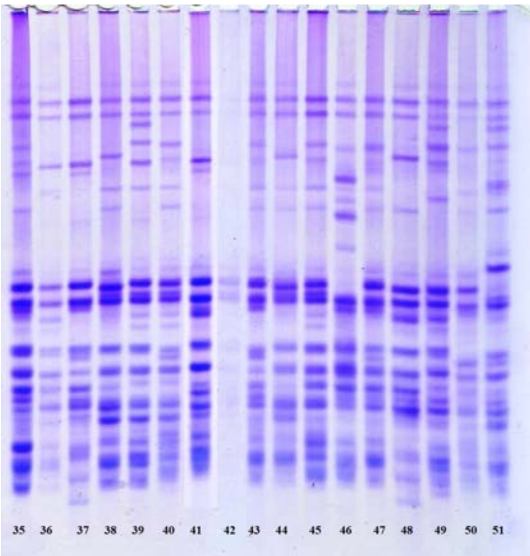
1D xromosomunun qliadinkodlaşdıran lokuslarında müxtəliflik müşahidə edilmə-mişdir. Belə ki, *v.meridionale,v.erythrospermum*və *v.albidum* genotiplərində ***Gld 1D6*** allel komponentlər bloku, *v.lutescens****Gld 1D3***, *v.cyanotrics* və *v.renovatum* nümunələrində ***Gld 1D5*** allel komponentlər bloku təyin edilmişdir.



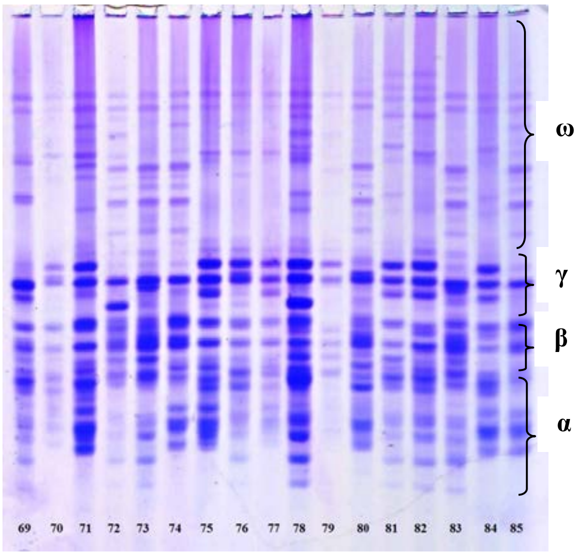
Şəkil 2. Yumşaq buğda nümunələrinin qliadin elektroforeqramları: 1 - v.meridionale, 2 - v.lutescens, 3 - v.erythrospermum, 4 - v.lutescens, 5 - v.milturum, 6 - v.erythrospermum, 7 - Bezostaya-1, 8 - Anza (marker), 9 - v.erythrospermum, 10 - v.graecum, 11 - v.erythrospermum, 12 - v.ferrugineum, 13 - v.lutescens, 14 - v.graecum, 15 - v.erythrospermum, 16 - v.lutescens, 17 - v.leucospermum.



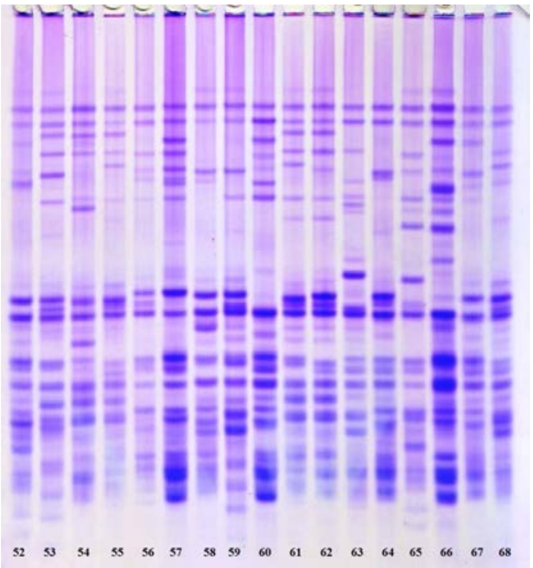
Şəkil 3. 18 - v.erythrospermum, 19 - v.turcicum, 20 - v.graecum, 21 - v.barbarossa, 22 - v.hostianum, 23 – v.lutescens, 24 - Bezostaya-1, 25 - Anza, 26 - v.erythrospermum, 27 - v.turcicum, 28 - v.lutescens, 29 -Qobustan (St.), 30 - v.murinum, 31 - v.ferrigineum, 32 -v.erythrospermum, 33 -v. lutescens, 34 -v.erythrospermum.



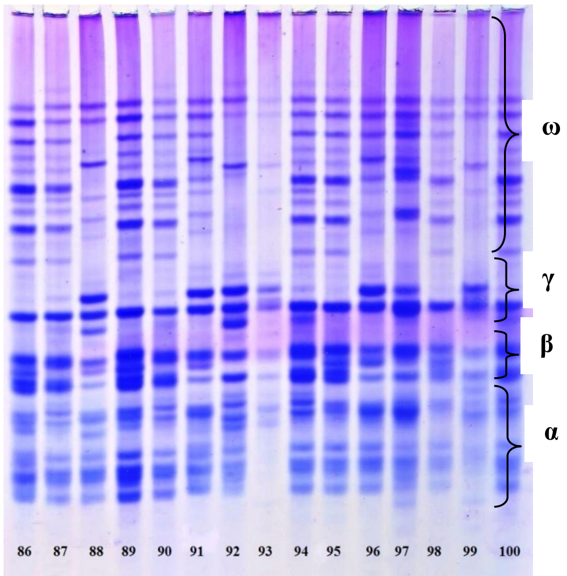
Şəkil 4. Yumşaq buğda nümunələrinin qliadin elektroforeqramları: 35 - v.ferrigineum, 36 -v.erythrospermum, 37 - v.erythrospermum, 38 -v.lutescens, 39 - v.erythrospermum, 40 - v.ferrigineum, 41 - Bezostaya-1, 42 - Anza (marker), 43 - v.milturum, 44 - v.lutescens, 45 - v.milturum, 46 - v.erythrospermum, 47 - v.ferrigineum, 48 - v.lutescens, 49 - v.erytroleucon, 50 - v.alborubrum, 51 - v.barbarossa.



Şəkil 6. Yumşaq buğda nümunələrinin qliadin elektroforeqramları: 69 - v.graecum, 70 - v.graecum, 71 -v.lutescens, 72 - v.graecum, 73 - v.graecum, 74 - v.lutescens, 75 – Bezostaya - 1, 76 - Anza (marker), 77 - v.lutescens, 78 - v.lutescens, 79 - v.ferrigineum, 80 - v.graecum, 81 - v.lutescens, 82 - v.lutescens, 83 - v.erythrospermum, 84 - v.lutescens, 85 - v.lutescens.

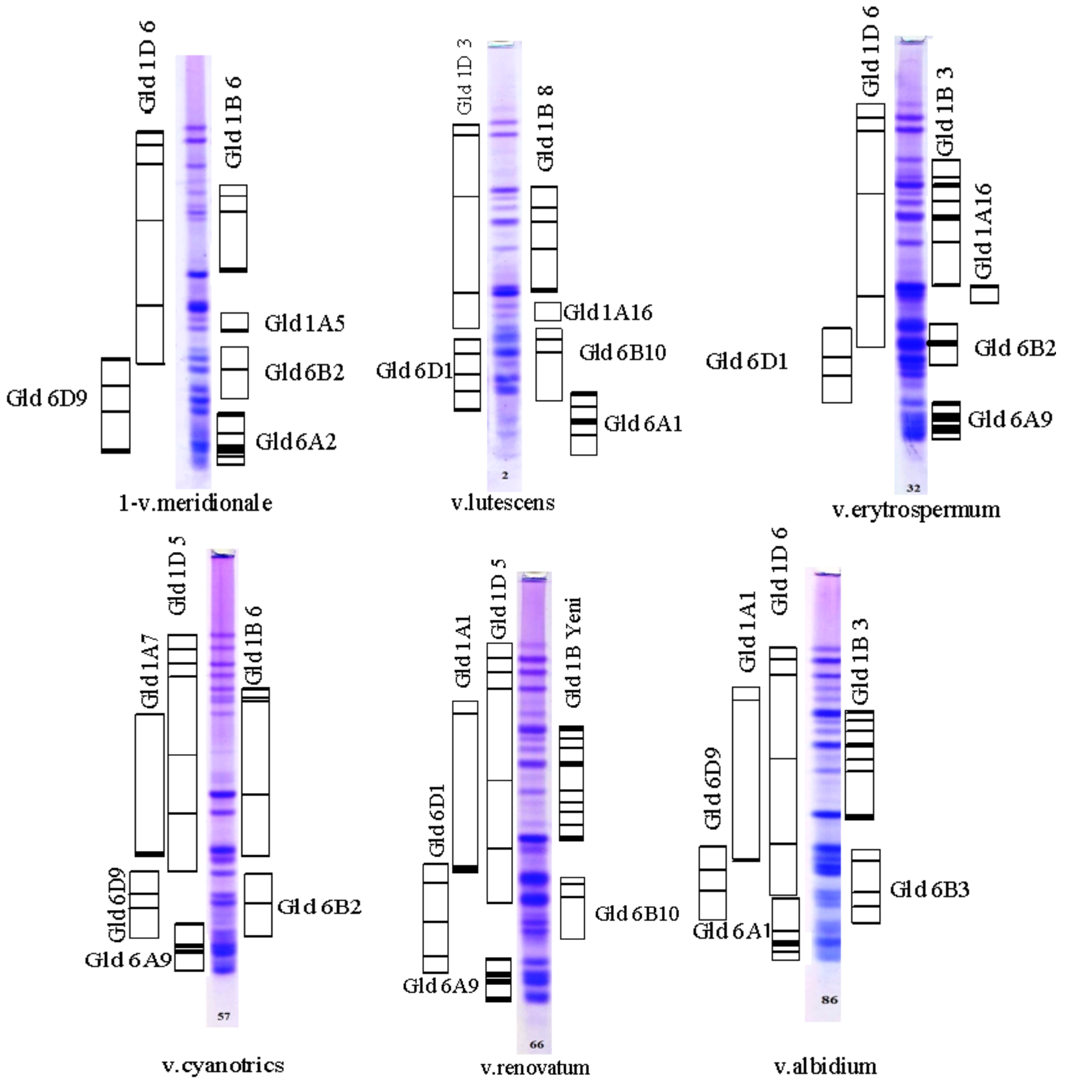


Şəkil 5. 52 - v.albidium, 53 - v.hostianum, 54 - v.meridionale, 55 - v.leucospermum, 56 - v.murinum, 57 - v.cyanotrics, 58 - Bezostaya-1, 59 - Anza, 60 - v.glaucolutescens, 61 - v.delfi, 62 - v.pyrotrix, 63 - v.turcicum, 64 - v.sardocum, 65 - v.nigricans, 66 - v.renovatum, 67 - v.pulchrum, 68 - ps.erythrospermum.



Şəkil 7. 86 - v.albidium, 87 - v.albidium, 88 - v.lutescens, 89 - v.lutescens, 90 - v.lutescens, 91 - v.lutescens, 92 - Bezostaya-1, 93 - Anza, 94 - v.albidium, 95 - v.albidium, 96 - v.lutescens, 97 - v.lutescens, 98 - v.lutescens, 99 - v.lutescens, 100 - v.lutescens.

Gld 6A lokusuna görə *v.meridionale* Gld 6A2, *v.lutescens* və *v.albidum* Gld 6A1, *v.erythrospermum, v.cyanotrics* və *v.renovatum* genotiplərində ***Gld 6A9*** qliadin allel komponentlər blokları müəyyən edilmişdir. *V.meridionale*, *v.erythrospermum* və *v.cyanotrics* genotiplərində ***Gld 6B2***, *v.lutescens* və *v.renovatum* genotiplərində ***Gld 6B10*** və *v.albidum* genotipində ***Gld 6B3***allel komponentlər blokları müəyyən edilmişdir. Gld 6D lokusuna görə *v.meridionale*, *v.cyanotrics* və *v.albidum* nümunələrində ***Gld 6D9***, *v.lutescens*, *v.erythrospermum* və *v.renovatum* genotiplərində ***Gld 6D1*** qliadin allel komponentlər blokları müşahidə edilmişdir (Şəkil 8).



Şəkil 8. Yumşaq buğda nümunələrinin qliadinkodlaşdıran lokusların elektroforeqramları və onların allel komponentlər blokları.

Tərəfimizdən aparılan tədqiqatda müxtəlif mənşəli yumşaq buğda nümunələrin elektroforeqramlarının zonalar üzrə elektro-foretik patternləri (spektrlərin zonalar üzrə modeli) və qliadin spektrləri müəyyən edilmişdir. Belə ki, **ω-**zonada 51 pattern və 14 spektr, **γ-**zonada 16 pattern və 7 spektr, **β-** zonada12 pattern, 4 spektrvə **α-**zonada isə29 pattern, 7 spektr aşkar edilmişdir.Analizlərin nəticələrinə əsasən ən çox pattern **ω-** və ən az pattern **α-** zonasında müşahidə olunmuşdur. Bununla belə, patternlərin və elektroforetik spektrlərin zonalar üzrə rastgəlmə tezliyi faizlə hesablanmışdır. **ω_3P** və **ω_{21}P-**inümunələr arasında 6.81% rastgəlmə tezliyinə malik olmuşdur. Genetik müxtəliflik indeksi **ω-**zonasında H=0,940 olmuşdur.**γ_9P**14.77% və **γ_6P-**i21.5% olmaqla nümunələr arasında yüksək rastgəlmə tezlikli olmuşdur. Genetik müxtəliflik indeksi **γ-** zonasındaH=0.780 hesablanmışdır. **β_2P-**i 44.31% olmaqla yüksək tezlikli, **β_6P-**i 10.22% olmaqla orta və **β_{11}P-**i isə 2.72% aşağı rastgəlmə tezlikli olmuşdur. Genetik müxtəliflik indeksi β-H=0.760 kimi müəyyən edilmişdir. **α_4P**-i 32.95% yüksək, **α_1P**-i 6.81% orat və **α_{12}P**-i isə 2.72% aşağı rastgəlmə tezliyi müəyyən edilmişdir. **α** zonanın genetik müxtəliflik indeksi isə H=0.870 vahid təşkil etmişdir.**ω_2S-**inümunələr arasında 25.5% aşağı rastgəlmə tezlikli, **ω_8S-**i 50% orta, **ω_4S-**iisə 94.4% yüksək ratgəlmə tezliyinə malik olmuşdur. **γ_7S-**i16.6% aşağı, **γ_2S-**i 54.4% olmaqla orta, **γ_6S-**iən yüksək rastgəlmə tezlikli (98.8%) olmuşdur.**$\beta_{1\text{-}3}$S-**i 82.2% və **β_4S-**i 84.4% olmaqla nümunələr arasında yüksək rasgəlmə tezliyi ilə fərqlənmişdilər. Genotiplər arasında **α-** zonanın 7 spektri yülsək rastgəlmə tezlikli kimi müəyyən edilmişdir. Bu spektrlər içərisindən ən yüksək rastgəlmə tezliyinə malik olan **α_7S-**i 98.8% olmuşdur.

ƏDƏBİYYAT

Sadıqov H.B. (2014) Azərbaycan xalq və Elmi seleksiya yolu ilə yaradılmış bərk buğda sortlarının dənlərində qliadin- və qlütenin kodlaşdıran lokusların identifikasiyası. *AMEA-nın xəbərləri (biologiya və tibb elmləri),* **69(1):** 71-80

Sadıqova S.B., Sadıqov H.B., Kərimov Ə.Y., Məmmədova G.Ə., Əkpərov Z.İ. (2016) Yumşaq buğda (*T.aestivum L)* genotiplərində qliaidin allel komponent bloklarının identifikasiyası. *AMEA-nın Xəbərləri (biol. və tibb elmləri),* **71(2):** 95-103.

Atlı A. (1999) Kışlık Tahıl Üretim bölgelerimizde yetiştirilen bazı ekmeklik ve makarnalık buğday çeşitlerinin kaliteleri ve kalitelerinin stabilitesi üzerine araştırmalar. *Türkiye Tahıl Simpozyumu*, 443-454.

Козуб Н.А., Созинов А.А., Созинов И.А. (2001) Эффект интогрессии от *Aegilops cylindrical* Host, в проявление признаков продуктивности растениий F_2 озимой мягкой пшеницы. *Генетика*, **40(12):** 1662-1667.

Попереля Ф.А. (1989) Полиморфизм глиадина и его связь с качеством зерна, продуктивностью и адаптивными свойствами сортов озимой мягкой пшеницы. М: Агропромиздат, 138-149

Попереля Ф.А., Созинов А.А. (1977) Биохимическая генетика глиадина и селекция пшеницы. *Проблема повышения качества зерна*. М.: Колос, 65-79.

Попереля Ф.А., Бито М., Созинов А.А. (1980) Связь блоков компонентов глиадина с выживаемостью растений и их продуктивностью, окраской колоса и качеством гибридов F2 от скрещивания сортов Безостая 1 и Црвена Звезда. *Докл. ВАСХНИЛ,* **№4:** 4-7.

Рыбалка А.И., Созинов А.А., (1979) Картирование локуса Gld 1B, контро-лирующего биосинтез запасных белков мягкой пшеницы. *Цитология и генетика*, **13(4):** 276.

Созинов А.А. (1982) Полиморфизм белков и его значение для генетики и селекции. *Вестн. АН СССР*, **№11:** 18-29.

Abdullah G.M., Khan A. S., Alı Z. (2002) Heterosis studyof certain important traits in wheat. *Internatıonal Journal of Agriculture & Biology*, **4(3):** 326-328.

Akcura M. (2006)Characterization of Turkish winter bread wheat landraces genetic resource. *PhD. Thesis.* Selcuk University Graduate School of Natural and Applied Sciences, 226 p. (in Turkish).

Anderson O.D., Cassidy B., Steffen J., Dvorak J., Greene F.C. (1991) Structure of the high-and low-molecular-weight gene families of the homoelogus group 1 chromosomes of the hexaploid bread wheat cultivar Cheyenne. *In*: *Gluten proteins in 1990* (W.Bushuk and R.Tkachuk, eds.). Am. Assoc. Cereal Chem.; St. Paul, Minessota pp. 512-519

Anderson O.D., Greene F.C. (1997): The α-gliadin gene family. II. DNA and protein sequence variation, subfamily structure, and origins of pseudogenes. *Theoret. Appl. Genet*., **95:** 59–65.

Barak S., Mudgil D, Khatkar B.S. (2015) Biochemical and functional properties of wheat gliadins: a review. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, **55(3):** 357–368.

Becker D., Wieser H., Koehler P., Folck A., Mühling K.H., Zörb C. (2012) Protein composition and techno-functional properties of transgenic wheat with reduced α–gliadin content obtained by RNA interference. *J. Appl. Bot. Food Qual*., **85:** 23–33.

Blum A. (1988) Plant breeding for stress environments. Boca Raton, FL: CRC Press, 38–78.

Boyd W.J.R., Lee J.W. (1967) The control of wheat gluten syntesis at the genome and chromosome level. *Experientia*, **23:** 332-333.

Ciaffi M., Lee Y-K., Tamas L., Gupta R., Skerritt J., Appels R. (1999)The low-molecular-weight glutenin subunit proteins of primitive wheats. III. The genes from D genome species. *Theor. Appl. Genet*., **98:** 135-148.

Dachkevitch T., Redaelli R., Biancardi A.M., Metakovsky EV, Pogna NE (1993) Genetics of gliadins coded by the group 1 chromosomes in the high-quality bread wheat cultivar Neepawa. *Theor. Appl. Genet.,* **86(2–3):** 389–399.

Finlay G.J., Bullock P.R., Sapirstein H.D., Naeem H.A., Hussain A., Angadi S.V., De Pauw R.M. (2007) Genotypic and environmental variation in grain, flour, dough and bread-making characteristics of western Canadian spring wheat. *Can. J. Plant Sci*., **87:** 679–690.

Gil-Humanes J., Pisto´n F., Gime´nez M.J., Martı´n A., Barro F (2012) The introgression of RNAi silencing of c-gliadins into commercial lines of bread wheat changes the mixing and technological properties of the dough. *PLoS One*, **7(9):** e45937.

Gooding M.J., Ellis R. H., Shewry P.R., Schofield, J. (2003)Effects of restricted water availability and increased temperature on the grain filling, drying and quality of winter wheat. *J. Cereal Sci*., **37:** 295–309.

Gupta R.B., Batey I.L., MacRitchie F. (1992) Relationships between protein composition and functional properties of wheat flours. *Cereal Chem*., **69:** 125–131.

Lafiandra D., Kasarda DD., Morris R (1984) Chromosomal assignment of genes coding for the wheat gliadin protein components of the cultivars ‘Cheyenne’ and ‘Chinese Spring’ by two-

dimensional (two-pH) electrophoresis. *Theor. Appl. Genet.*, **68(6):** 531–539.

Li Y., Song Y., Zhou R., Branlard G., Jia J.(2009) Detection of QTLs for bread-making quality in wheat using a recombinant inbred line population. *Plant Breed,* **128(3):** 235–243.

Medouri A., Bellil I., Khelifi D. (2015) The genetic diversity of gliadins in Aegilops geniculata from Algeria. *Czech J. Genet. Plant Breed.,* **51(1):** 9–15.

Melnikova N.V., Kudryavtsev A.M. (2009) Allelic diversity at gliadincoding gene loci in cultivars of spring durum wheat (*Triticum durum* Desf.) bred in Russia and former Soviet republics in the 20th century. *Russ J. Genet.,* **45(10):** 1208-1214.

Metakovsky E.V., Branlard G.P., Chernakov V.M., Upelniek V.P., Redaelli R., Pogna N.E. (1997) Recombination mapping of some chromosome 1A-, 1B-, 1D- and 6B-controlled gliadins and low-molecular-weight glutenin subunits in common wheat. *Theor. Appl. Genet.,* **94(6–7):** 788–795.

Mondal S., Hays D.B., Alviola N.J., Mason R.E., Tilley M., Waniska R.D., Bean S.R., Glover K.D. (2009) Functionality of gliadin proteins in wheat flour tortillas. *J. Agric. Food Chem.,* **57(4):** 1600–1605.

Nei M. (1973) Analysis of gene diversity in subdivided population. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA,* **70:** 3321-3323.

Novoselskaya-Dragovich A.Y., Bespalova L.A., Shishkina A.A., Melnik V.A., Upelniek V.P., Fisenko A.V., Dedova L.V., Kudryavtsev A.M. (2015) Genetic diversity of common wheat varieties at the gliadin-coding loci. *Russ. J. Genet.,* **51(3):** 262–271.

Payne P.I., Jackson E.A., Holt L M., (1984) The association between y-gliadin 45 and gluten strength in durum wheat varieties: A direct causal effect or the result of genetic linkage? *J. Cereal Sci.,* **2:** 73-81.

Qi PF., Wei Y.M., Yue Y.W., Yan Z.H., Zheng Y.L. (2006) Biochemical and molecular characterization of gliadins. *Mol. Biol.,* **40(5):** 713-723.

Rohlf F.J. (2000) NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System: Version 2.1. *Applied Biostatistics,* New York: 2000

Rybalka A.I., Sozinov, A.A. (1979) Mapping of *Gld 1B* locus controlling the biosynthesis of storage proteins in wheat, *Tsitol. Genet.,* **13:** 276–282.

Sears E.R. (1966) Nullisomic-tetrasomic combinations in hexaploid wheat. In: Riley R., Lewis K.B. (Eds) *Chromosome manipulations and Plant Genetics*. London: Oliver and Boyd, 29-45.

Shepherd K.W. (1968) Chromosomal control of endosperm proteins in wheat and rye. In: *Proc. 3rd Inter, wheat genet. Symp*. (K.W.Finlay, K.W.Sherherd, eds.). Canberra: Austral. Acad. Sci., **1968:** 86-96.

Singh N.K., Shepherd K.W. (1984) A new approach to studying the variation and genetic control of disulphide-linked endosperm proteins in wheat and rye. In: *Proc. 2nd International Workshop of Gluten Proteins*. (A.Gra-veland and J.H.E.Moonen, eds.). The Netherlands: TNO, Wageningen, 129-136

Singh N.K., Shepherd K.W. (1988) Linkage mapping of genes controlling endosperm storage proteins in wheat: 1. Genes on the short arms of group 1 chromosomes, *Theor. Appl. Genet.,* **75:** 628-641.

Wang A., Gao L., Li X., Zhang Y., He Z., Xia X., Zhang Y., Yan Y. (2008) Characterization of two 1D-encoded x-gliadin subunits closely related to dough strength and pan bread-making quality in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *J. Cereal Sci.,* **47(3):** 528-535

Wieser H. (2007) Chemistry of gluten proteins. *Food Microbiology, 3rd International Symposium on Sourdough*, 115–119.

Wilson J.A. (1984) Hybrid wheat breeding and commercial seed development. *Plant Breed. Rev*., **2:** 303–319.

Zhang W., Gianibelli M.C., Ma W., Rampling L., Gale K.R. (2003) Identification of SNPs and development of allele-specific PCR markers for c-gliadin alleles in *Triticum aestivum*. *Theor. Appl. Genet*., **107(1):** 130-138.

Zhao C.-X., He M.-R., Wang Z.-L., Wang Y.-F., Lin Q. (2009) Effects of different water availability at post-anthesis stage on grain nutrition and quality in strong-gluten winter wheat. *C. R. Biol*., **332:** 759-764.

Идентификация и оценка генетической близости местных образцов мягкой пшеницы (*T. aestivum* L.) с использованием белковых маркеров - проламинов

В.Н. Рустамова, А.Я. Каримов, С.Б. Садыгова, Н.Б. Садыгов, М.А. Аббасов

Институт генетических ресурсов НАН Азербайджана

Выполнена оценка генетического расстояния между 88 образцами мягкой пшеницы с использованием метода Acid-PAGE запасного белка глиадина. Полученные в результате электрофореза спектры глиадина были пронумерованы в бинарной системе, на основе которой, с помощью компьютерной программы SPSS, составлена диаграмма генетического расстояния между образцами. Изучаемая коллекция мягкой пшеницы распределилась в диаграмме на 10 кластеров. Были установлены блоки аллелей глиадинкодирующих локусов в геномах исследованных разновидностей мягкой пшеницы, а также выявлено 32 спектра по ω-, γ-, β- и α-зонам электрофореграмм глиадина и 108 различных паттернов проламина По зонам электрофореграмм глиадина были рассчитаны индексы генетического разнообразия (H-) по Nei.

Ключевые слова: *T.aestivum* L.*, глиадин, локус, аллель, генетическое разнообразие*

Identification of prolamin protein markers of new local bread wheat (*T. aestivum* L.) genotypes and evaluation of their genetic affinity

V.N. Rustamova, A.Y. Karimov, S.B. Sadigova, H.B. Sadigov, M.A. Abbasov

Genetic Resources Institute, Azerbaijan National Academy of Sciences

Genetic affinity of 88 samples from 21 local wheat varieties was estimated using the Acid-PAGE method based on the storage protein - gliadin. The gliadin spectra obtained by electrophoresis were numbered in a binary system, and a dendrogram was compiled using the SPSS computer program to determine the genetic affinity of the samples. According to the dendrogram, the samples were distributed in 10 clusters. Blocks of alleles of gliadin-coding loci were found in the studied wheat varieties. 32 spectra and 108 various protein patterns were detected in ω-, γ-, β- and α-zones of gliadin electrophoregrams of the samples and the Nei's genetic diversity index (H-) was calculated.

Keywords: *T.aestivum* L.*, gliadin, locus, allele, genetic diversity*